

# Nog veel mensen met griep, maar aantallen nemen niet verder toe

## Nieuwsbrief influenza surveillance 2024-2025

### Epidemiologische influenzasituatie in Nederland

In week 7 van 2025 rapporteerden de huisartsen van de Nivel peilstations 92 patiënten met influenza-achtig ziektebeeld (IAZ) per 100.000 inwoners (figuur 1, bron: [Nivel](#)). Dat is een daling ten opzichte van de voorgaande twee weken, maar nog wel boven de grenswaarde voor matige intensiteit van 83 patiënten per 100.000 inwoners. Het is de vijfde achtereenvolgende week dat er een griep epidemie in Nederland is. Naast griepvirus werden ook respiratoir syncytieel virus, humaan metapneumovirus, rhinovirus, seizoenscoronavirussen, SARS-CoV-2, parainfluenzavirussen, en adenovirus aangetoond in monsters uit alle surveillance bronnen (Bron: [RIVM](#)).

### Influenzavirusdetecties

In de monsters afgenomen door peilstationhuisartsen in week 7 van 2025 werd bij 53 patiënten met een IAZ 32 keer (60%) influenzavirus gevonden. In 19 monsters van patiënten met een andere acute respiratoire infectie (ARI) werd 8 keer (42%) influenzavirus gevonden. Zie onderstaande tabel en figuur 3. Sinds week 40 in 2024 is in de 1077 door peilstations ingestuurde monsters van patiënten met een IAZ of andere ARI 142 keer A(H1N1)pdm09 virus, 170 keer influenza A(H3N2) virus, en 50 keer influenza B virus van de Victoria-lijn aangetoond. Van 9 influenza A virussen kon het subtype niet worden vastgesteld vanwege lage hoeveelheid virus in het monster.

Virus	IAZ (N=53)	Andere ARI (N=19)
Influenza A(H1N1)pdm09	5 (9.4%)	0 (0%)
Influenza A(H3N2)	21 (39.6%)	7 (36.8%)
Influenza A (subtype onbekend)	1 (1.9%)	0 (0%)
Influenza B (Victoria-lijn)	5 (9.4%)	1 (5.3%)
Respiratoir syncytieel virus	3 (5.7%)	3 (15.8%)
Humaan metapneumovirus	1 (1.9%)	1 (5.3%)
Enterovirus	0 (0%)	0 (0%)
Rhinovirus	3 (5.7%)	0 (0%)
Seizoenscoronavirussen	5 (9.4%)	2 (10.5%)
SARS-CoV-2	2 (3.8%)	0 (0%)
Parainfluenzavirussen	1 (1.9%)	0 (0%)
Adenovirus	1 (1.9%)	0 (0%)

Sinds week 40 in 2024 werden in de virologische weekstaten 9888 infecties met influenzavirus gerapporteerd, waarvan 9083 (92%) met influenza A en 805 (8%) met influenza B virus (figuur 5). Door de diagnostieklaboratoria (deels overlappend met de weekstaten) werden 1178 (83%) influenza A virus positieve en 236 (17%) influenza B virus positieve monsters ingestuurd naar het Nationaal Influenza Centrum. Van de 601 gesubtypeerde influenza A virussen waren dit 403 (67%) influenza A(H1N1)pdm09 en 198 (33%) A(H3N2) virussen, terwijl er 577 (nog) niet werden gesubtypeerd (figuur 4). De 116 gekarakteriseerde influenza B virussen behoren allen tot de Victoria-lijn. Van 120 influenza B virussen is de genetische lijn (nog) niet bepaald. In Infectieradar werden sinds week 40 in 2024

245 influenzavirussen gevonden, 214 keer influenza A virus, waarvan 120 keer (56%) A(H1N1)pdm09 virus en 94 keer A(H3N2) virus (44%). Van de 31 influenza B virussen behoorden 26 virussen tot de Victoria-lijn, van 5 anderen is de genetische lijn (nog) niet bepaald (figuur 6).

### Viruskarakterisering seizoen 2024-2025

Vanaf week 40 in 2024 werden dit seizoen 930 influenzavirussen uit de peilstations, diagnostiek laboratoria en Infectieradar door middel van sequencing genetisch gekarakteriseerd en via [GISAID](#) gedeeld. Van de totaal 487 Nederlandse influenza A(H1N1)pdm09 virussen behoren er 445 tot clade 5a.2a subclade C.1.9 (waarvan 34 C.1.9.1, 359 C.1.9.3, en 7 C.1.9.4) terwijl er 42 tot subclade D (waarvan 2 in D.1, 37 in D.3, en 1 in D.5) van clade 5a.2a.1 behoren (figuur 7). De 338 Nederlandse A(H3N2) virussen vallen allen in clade 2a.3a.1. Hiervan behoren er 331 tot subclade J.2 (waarvan 19 tot J.2.1 en 39 tot J.2.2), 6 tot J.1.1 en een enkel virus in subclade J.4. De 105 influenza B virussen met sequentie-data behoren allen tot de Victoria-lijn clade V1A.3a.2, waarvan er respectievelijk 55 (vier uit Curaçao), 21, en 29 in subclades C.5.1, C.5.6 en C.5.7 vallen.

In de afgelopen weken werd bij ongeveer 16% van de genetisch geanalyseerde Nederlandse A(H3N2)-griepvirussen een virusvariant gevonden met twee aminozuurveranderingen in het hemagglutinine-eiwit (N158K + K189R). Deze varianten behoren allen tot clade 2a.3a.1 subclade J.2. Eerste testresultaten wijzen erop dat de veranderingen ervoor kunnen zorgen dat deze variant veel minder goed wordt herkend door antistoffen die zijn aangemaakt na vaccinatie met de A(H3N2)-component van de griepvaccin. Het is nog niet duidelijk of deze veranderingen ertoe leiden dat meer mensen griep krijgen. Antistoffen opgewekt tegen de vaccin-componenten voor A(H1N1)pdm09 virus en influenza B virus voor dit seizoen reageerden goed met de tot dusver geteste virussen.

In monsters van twee patiënten met influenza-achtig ziektebeeld die bij de huisarts kwamen, werden recent gereassorteerde virussen gedetecteerd. Deze H3N2 3+5 H1N1pdm09 virussen hadden HA, NA and PB1 gensegmenten afkomstig van A(H3N2) virus en MP, NP, NS, PA and PB2 gensegmenten van A(H1N1)pdm09 origine. In de gereassorteerde virussen werden geen aminozuurveranderingen geïdentificeerd die geassocieerd worden met verminderde herkenning door antilichamen tegen het huidige influenzavaccin of antivirale resistentie. Daarom beschouwen we de impact van het reassortant virus op de volksgezondheid als laag.

De komende weken zullen we gedetailleerde analyses blijven uitvoeren op monsters verkregen uit de verschillende bronnen om de mogelijke opkomst en verspreiding van virusvarianten en gereassorteerde virussen te monitoren.

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

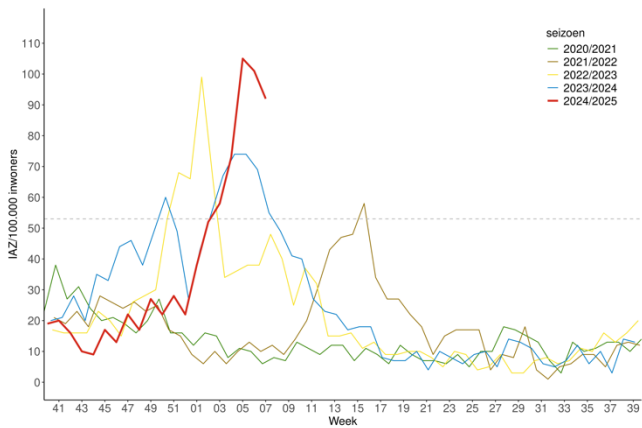


Fig. 1. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2020-2025 per week en per 100.000 inwoners. De stippelijijn geeft de drempel voor verhoogde activiteit weer (bron: Nivel).

Grafieken Nivel, EMC en RIVM

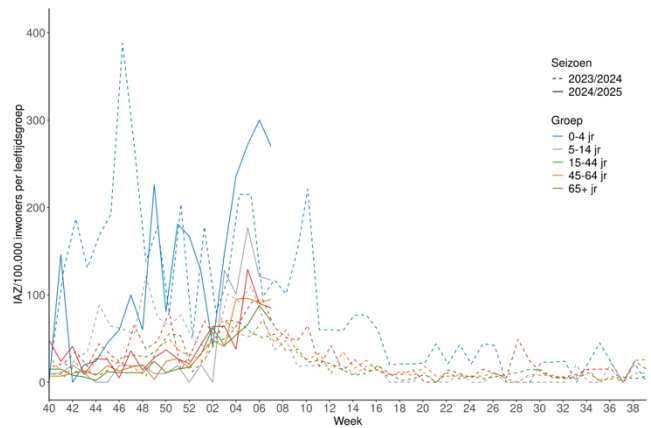


Fig. 2. Aantallen door peilstationhuisartsen gerapporteerde patiënten met IAZ in 2024/2025 en 2023/2024 per week en per 100.000 inwoners, weergegeven per leeftijdsgroep (bron: Nivel).

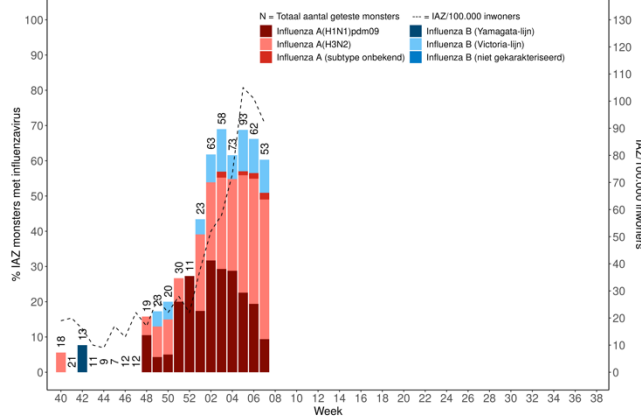


Fig. 3. Percentage monsters van huisartspatiënten met een IAZ waarin influenzavirus werd aangetroffen (y-as links), met het totaal aantal geteste monsters numeriek weergegeven per week van monsterafname. De incidentie van IAZ per week en per 100.000 inwoners is weergegeven als stippelijijn (y-as rechts) (bron: RIVM en Nivel).

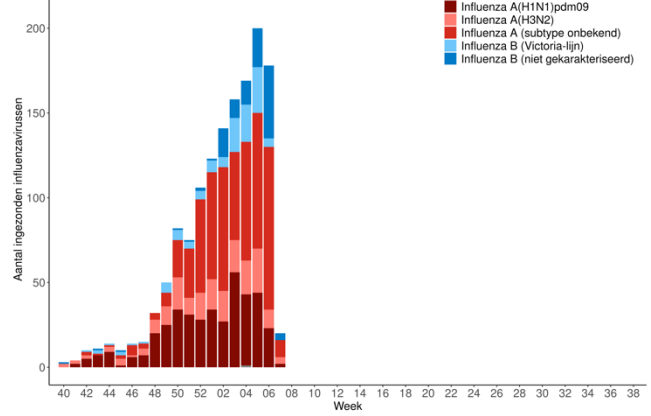


Fig. 4. Aantallen getypeerde virussen in vanuit diagnostische laboratoria opgestuurde influenzavirus positieve monsters per week van monsterafname. Door het insturen van een selectie van influenzavirus positieve monsters is kwantitatieve interpretatie niet mogelijk en lopen typeringen enigszins achter (bron: EMC, RIVM).

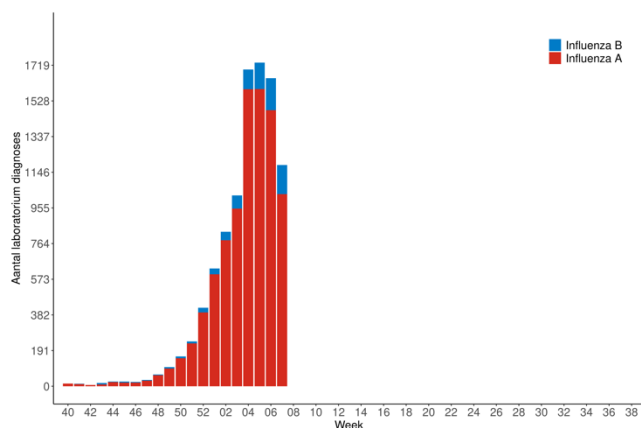


Fig. 5. Aantallen diagnoses van influenzavirusinfecties gerapporteerd door de diagnostiek laboratoria deelnemend aan de virologische weekstaten per week van diagnose. De laatste week is altijd een onderrapportage omdat op moment van data extractie nog niet alle laboratoria hun data hebben gerapporteerd (bron: virologische weekstaten).

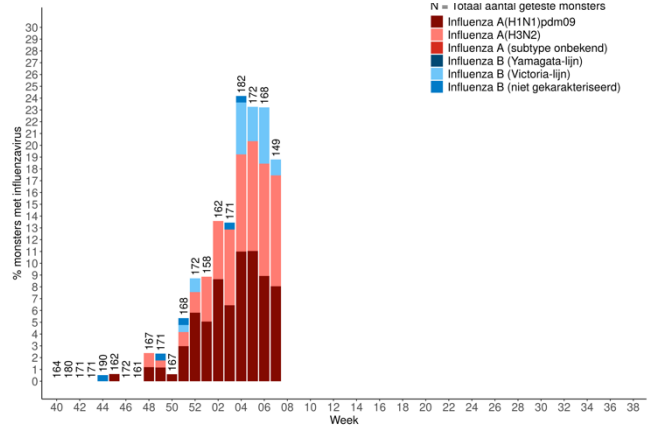


Fig. 6. Percentage monsters, afgenomen bij deelnemers aan de Infectieradar met klachten passend bij een acute luchtweginfectie, waarin influenzavirus werd aangetroffen per week van monsterafname. Het totaal aantal geteste monsters is numeriek weergegeven per week (bron: Infectieradar RIVM).

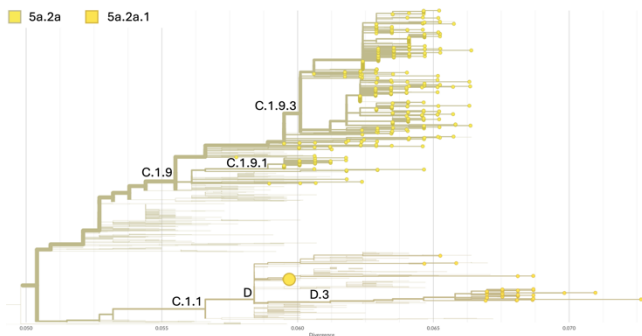
**Stambomen**

Fig. 7. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H1N1)pdm09 virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H1N1)pdm09 virussen van 2024/2025 vallen in clade 5a.2a. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

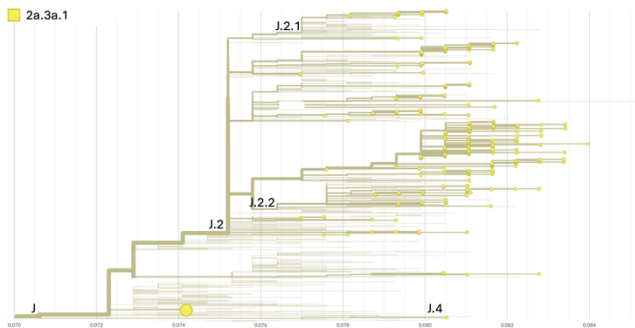


Fig. 8. Stamboom voor het hemagglutinine gen van A(H3N2) virussen. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse A(H3N2) virussen van 2024/2025 vallen in clade 2a.3a.1. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

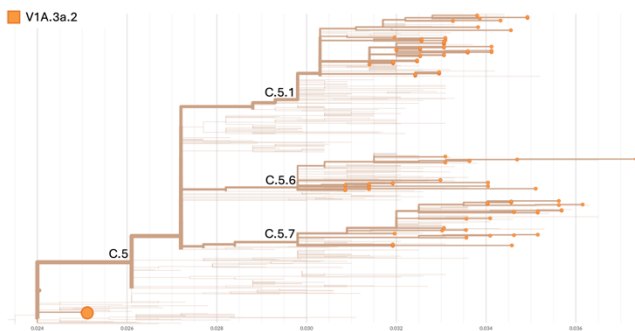


Fig. 9. Stamboom voor het hemagglutinine gen van virussen uit de B/Victoria lijn. De gekleurde stippen geven Nederlandse virussen weer. De grote stip markeert de huidige vaccinstam. Dunne lijntjes representeren veelal oudere virussen van elders in de wereld. Clades zijn weergegeven in kleuren. De Nederlandse B virussen van 2024/2025 vallen in clade V1A.3a.2. Bron: Nextstrain, met dank aan GISAID.

**Samenstelling van het influenzavaccin voor 2024/2025**

- A/Victoria/4897/2022-achtig A(H1N1)pdm09 virus;
  - A/Thailand/8/2022-achtig A(H3N2) virus;
  - B/Austria/1359417/2021-achtig virus (B/Victoria/2/87 lijn);
  - B/Phuket/3073/2013-achtig virus (B/Yamagata/16/88 lijn)
- In Nederland volgt het Nationaal Programma Grieppreventie in de regel dit WHO-advies voor quadrivalent vaccin.

**Colofon**

Deze Nieuwsbrief komt tot stand door samenwerking van de volgende instanties en personen:

**Nivel, Utrecht ([Link naar informatie over griep van Nivel](#))**

Dr. Mariëtte Hooiveld  
Dr. Valérie Sankatsing  
Dr. Jojanneke van Summeren

**Erasmus MC, Rotterdam**

Prof. dr. Marion Koopmans, directeur Nationaal Influenza Centrum  
Prof. dr. Ron Fouchier  
Dr. Björn Koel

**RIVM, Bilthoven ([Link naar informatie over griep van RIVM](#))**

Dr. Adam Meijer  
Dr. Marit de Lange  
Drs. Maxime Hartwig  
Drs. Eline in 't Velt

Dr. Dirk Eggink  
Dr. Anne Teirlinck  
Drs. Jasper van den Brink  
Dr. Rianne van Gageldonk-Lafeber

**Redactiesecretariaat:**

Maria Silva, Nationaal Influenza Centrum  
Marjolijn Bechthold-Hoogstad, Nationaal Influenza Centrum  
Aanmelden voor de Nieuwsbrief: [nic@erasmusmc.nl](mailto:nic@erasmusmc.nl)

**Dankwoord**

Wij danken iedereen die genetische data voor influenzavirus beschikbaar heeft gesteld, zowel uit de virologische laboratoria als de sequencing laboratoria wereldwijd en GISAID die deze data aanbiedt via de Epiflu database. Wij danken Nextstrain.org medewerkers, in het bijzonder Richard Neher, voor de fylogenie. Wij danken Nicola Lewis en haar medewerkers van het WHO referentie laboratorium bij het Francis Crick Institute in Londen voor antigene karakterisering van virussen in het GISRS netwerk. Wij danken de Nederlandse Werkgroep voor Klinische Virologie en de betrokken laboratoria voor het beschikbaar stellen van influenzavirus detectie data uit de virologische weekstaten. Wij danken huisartsen en patiënten van de peilstations en het team van Nivel Zorgregistraties Eerste Lijn voor hun bijdrage aan de respiratoire surveillance.

**De Nieuwsbrief ook op Internet:**

<https://www.erasmusmc.nl/nl-nl/link-pages/influenza-surveillance-nieuwsbrief>